



PROGRAMME

Dimanche le 10 août 2025

Lieu: Au 5e étage du CRCHUM, au 900 rue Saint-Denis. Vous devez svp prendre les ascenseurs publics et vous rendre au 5e étage. L'événement se tiendra dans deux salles, soit l'Agora du CRCHUM et l'amphithéâtre R05-215 (A et B) du CRCHUM toujours au 5e étage.

- 8:30AM - 9:00AM.... Accueil, café viennoiseries**
- 9:00AM - 9:20 AM.... Cérémonie d'ouverture**
Mot de bienvenue (Marie-Pierre Sylvestre)
- 9:20AM - 10:10 AM... Séance I de présentations orales étudiantes (voir pages 2-3)**
- 10:10AM - 10:25 AM.. Pause-café**
- 10:25AM - 11:05 AM...Séance II de présentations orales étudiantes (voir pages 4-5)**
- 11:15AM - 12:15 PM.... Atelier sur la prédiction (Arthur Chatton, voir page 6)**
- 12:15PM - 14:00 PM.. Lunch et présentation d'affiches entre 13:15 PM - 14:00 PM (voir pages 7-9)**
- 14:00 PM -15:00 PM.. Panel des carrières (voir pages 10-11)**
- 15:00 PM -15:30 PM.. Pause-café**
- 15:30 PM-16:30 PM.. Discours d'honneur (Simon Girard, voir page 12)**
- 16:30 PM -17:00 PM.. Mot de clôture et remise des prix**
- 17:00 PM -5 à 7**

Note. L'accueil, la cérémonie d'ouverture, les pauses et le repas, la séance d'affiches ainsi que la cérémonie de clôture se dérouleront à l'Agora. Les autres séances se tiendront dans l'amphithéâtre.

Séance I de présentations orales étudiantes

(9:20 AM - 10:10 AM)

Lieu: Amphithéâtre R05-215 A et B au 5e étage du CRCHUM

9:20-9:32 Yazzourh, Sophia, Université McGill, Département d'épidémiologie, biostatistique, et santé au travail

Construction de multiples recommandations epsilon-équivalentes dans le cadre des stratégies dynamiques de traitement.

La médecine de précision place les caractéristiques individuelles du patient au cœur des stratégies de recommandation de traitement. Cette approche repose sur le cadre formel des "Dynamic Treatment Regimes" ou stratégies dynamiques de traitements, qui exploitent des méthodes statistiques, bayésiennes ou d'apprentissage automatique pour élaborer des règles de décision personnalisées. Cependant, ces méthodes fournissent généralement une seule recommandation de traitement à chaque point de décision, aboutissant ainsi à une seule séquence de décisions optimales. Nous proposons une approche innovante basée sur le Q-learning, capable de générer des stratégies de traitement proches en équivalences. Cette flexibilité permet aux experts médicaux d'intégrer leur expertise clinique ainsi que leur jugement dans le processus de prise de décision.

9:32-9:44 Kouam, Leslie, Institut national de la recherche scientifique (INRS)

Évaluation de l'exposition à la lumière artificielle nocturne autour des résidences: incertitude et susceptibilité au biais de mesure

L'évaluation précise de l'exposition dans les études observationnelles est cruciale pour éviter les biais. Cette étude évalue les incertitudes et la sensibilité au biais de mesure dans l'évaluation de l'exposition résidentielle à la lumière artificielle nocturne (LAN) à Montréal, à partir d'images satellites calibrées. Les mesures de LAN (intensité, % de lumière bleue et Impact-MSI i.e. leur produit) ont été générées pour 1931 cas de cancer de la prostate et 1994 témoins de l'étude PROtEuS, aux adresses résidentielles. En variant la zone tampon de 50 à 200 m, les rapports de cotes pour l'intensité augmentaient de 1,52 à 1,61. Ceux pour la lumière bleue diminuaient de 0,79 à 0,72 et pour Impact-MSI, de 1,38 (95%CI 1,10-1,72) à 1,24 (95%CI 0,98-1,56). Les valeurs-E près de 1 indiquent des résultats sensibles au biais de mesure. Bien que cette approche soit prometteuse, nos observations suggèrent que les résultats d'études qui l'appliquent doivent être interprétés et comparés prudemment.

Troubles neurocognitifs majeurs : Analyse longitudinale et dyadique sur la santé et la qualité de vie (EQ-5D-5L) des patients et de leurs aidants, au sein des cohortes issues du laboratoire vivant (CONSTELLATION).

Objectifs : L'objectif principal est d'analyser l'évolution de la qualité de vie des patients et de leurs aidants au fil du temps, avec des mesures à trois moments : $T=0$, $T=9$ mois et $T=15$ mois. Un objectif secondaire est d'explorer les dynamiques dyadiques, en analysant l'influence réciproque des perceptions entre les membres des dyades.

Méthodes : Les données proviennent de dyades composées de patients atteints de troubles neurocognitifs majeurs (MNCD) et de leurs aidants, suivis dans le cadre du programme COMPAS+ MNCD. L'analyse inclut des modèles mixtes à mesures répétées et un modèle d'interdépendance acteur-partenaire (APIM) pour étudier l'influence réciproque des perceptions.

Conclusion : Cette étude vise à comprendre les dynamiques entre patients et aidants dans les transitions de soins liées aux MNCD. Les résultats permettront d'identifier les facteurs influençant la qualité de vie des deux parties, améliorant ainsi la prise en charge et le soutien.

Étude comparative de la transférabilité des scores de risque polygéniques (PRS) multiéthniques : une revue systématique et méta-analyse.

En médecine préventive, les scores de risque polygénique (PRS) estiment la prédisposition génétique d'une maladie complexe sur la base d'études d'association pangénomique (GWAS). Cependant, la plupart des PRS sont construits à partir de biobanques composés majoritairement de populations d'ascendance européenne. Ainsi, les PRS actuels sont performants pour ces dernières et inefficaces pour les populations sous-représentées dans les biobanques. A cet effet, plusieurs algorithmes ont été proposés dans la littérature pour améliorer le pouvoir de transférabilité des PRS avec des résultats mitigés. Dans ce projet de recherche, nous réalisons une revue systématique et une évaluation comparative complète des PRS afin de comparer leur pouvoir de transférabilité. Cette revue exhaustive de la littérature suit les lignes directives de PRISMA. Les algorithmes de construction des PRS sont appliqués sur les biobanques de CARTaGENE et évalués sur des critères d'évaluation tels que le R^2 ou l'AUC.

Séance II de présentations orales étudiantes

(10:25 AM - 11:15 AM)

Lieu: Amphithéâtre R05-215 A et B au 5e étage du CRCHUM

10:25-10:37 Hane Abdoulaye, Tafsir, Université Laval

Impact de l'accès à un centre de traumatologie pédiatrique sur la mortalité, les complications et la durée d'hospitalisation : Application de la méthode du Win Ratio

Les approches statistiques conventionnelles, telles que l'estimation des rapports de cotes ou de risque par des modèles de régression, peuvent difficilement tenir compte de plusieurs résultats cliniques en même temps, ni pondérer les résultats selon leur importance clinique. Le Win Ratio, une approche statistique innovante qui prend en compte l'importance des événements d'intérêt, qui est récemment utilisé pour évaluer l'efficacité des interventions dans un contexte d'essais cliniques randomisé, peut désormais être adapté à l'estimation d'associations dans un contexte observationnel.

Objectif : Nous nous proposons d'utiliser le Win Ratio afin de déterminer l'impact de l'accès à un centre de traumatologie pédiatrique (CTP) sur la mortalité, les complications, la durée du séjour à l'hôpital et aux soins intensifs.

Cette étude contribuera à une meilleure compréhension de l'impact de l'accès aux soins spécialisés pour les enfants ayant subi un traumatisme.

10:37-10:49 Pena-Gralle, Ana Paula, Université de Montréal

Prédiction de la mortalité toutes causes chez les patients atteints de MPOC à partir des données de remboursement des médicaments et de l'apprentissage automatique.

Contexte : Malgré la mortalité élevée associée à la maladie pulmonaire obstructive chronique (MPOC), peu d'études utilisent les données médico-administratives (DA) sur l'usage des médicaments pour prédire le décès, et rares sont celles recourant à l'apprentissage automatique (AA). Objectif : Évaluer la capacité prédictive des DA combinées à l'AA pour prédire la mortalité toutes causes chez les patients atteints de MPOC. Méthode : L'utilisation et l'adhésion aux médicaments prescrits pour la MPOC et les comorbidités chroniques durant un an, chez 179 168 patients, ont été analysées par régression logistique et six méthodes d'AA afin de prédire la mortalité sur cinq ans. Résultat : Un réseau neuronal profond avec 74 prédicteurs médicamenteux a eu les meilleures performances (aire sous la courbe ROC=0,787; aire sous la courbe précision-rappel=0,556). Conclusion : Les DA disponibles à grande échelle constituent une ressource efficace pour prédire la mortalité et orienter les choix thérapeutiques.

Comparaison des approches statistique et d'apprentissage automatique pour modéliser les effets sanitaires de la chaleur extrême

Contexte : Des modèles (bio)statistiques sont généralement utilisés pour estimer les conséquences sanitaires de la chaleur extrême, appelées à augmenter avec les changements climatiques. Objectifs : Introduire les modèles d'apprentissage automatique et les comparer aux approches statistiques traditionnellement utilisées dans le domaine. Méthodes : Des modèles statistiques et d'apprentissage automatique (forêt aléatoire, gradient boosting, réseaux de neurones) ont été entraînés pour prédire la mortalité et la morbidité liées à la chaleur extrême dans plusieurs régions du Québec, Canada. Résultats : Les modèles de réseaux de neurones avaient de meilleures performances sur la base de différents critères d'évaluation. Cependant, le modèle de gradient boosting semblait mieux prédire le pic sanitaire observé en période de canicule. Conclusion : Cette étude comparative illustre que le choix du meilleur modèle pour les relations santé-climat dépend grandement de la façon d'évaluer la performance.

Courte pause avant de commencer l'atelier

Atelier sur la prédition

(11:15 AM – 12:15 PM)

Lieu: Amphithéâtre R05-215 A et B au 5e étage du CRCHUM



Arthur Chatton

Professeur adjoint, Département de médecine sociale et préventive,
École de Santé Publique, Université de Montréal

Le développement et la publication de scores prédictifs connaissent un intérêt exponentiellement croissant en santé, notamment suite à l'essor de l'intelligence artificielle. Malheureusement, seul un nombre limité de ces scores sont finalement utilisés en pratique. Cet atelier propose une introduction aux bonnes pratiques de la modélisation prédictive appliquée aux données de santé. Nous introduirons les principaux objectifs de ces scores ainsi que les freins à leur déploiement en pratique clinique avant de discuter plus en détail des différentes étapes de développement et de validation/évaluation de ces scores.

Présentations d'affiches étudiantes

(13:15 PM - 14:00 PM)

Lieu: AGORA au 5e étage du CRCHUM

Ball, Amadou Aliou, Institut National de la Recherche Scientifique (INRS), Centre Armand-Frappier Santé Biotechnologie (AFSB), Unité mixte de recherche en Santé durable (UMR, INRS-UQAC)

Conception de méthodes statistiques asymétriques novatrices centrées sur les expectiles et M-quantiles : application aux données du microbiome

Les données microbiologiques jouent un rôle important dans la compréhension de nombreux processus biologiques, notamment la relation entre le microbiome et les phénotypes d'intérêt. Ces données peuvent révéler des informations essentielles sur la santé humaine, les maladies et les réponses aux traitements. Traditionnellement, leur analyse repose sur l'ANOVA, souvent inappropriée pour les données microbiennes en raison de distributions asymétriques et multimodales. Nous proposons une méthode asymétrique de l'ANOVA basée sur les expectiles et les M-quantiles, capables de capturer la structure asymétrique des données. Contrairement à la moyenne, les expectiles pondèrent différemment les observations, offrant une vision plus complète de la variabilité des données microbiologiques. Nous avons formalisé l'ANOVA asymétrique que nous évaluons à partir de simulations exhaustives. Les bienfaits de cette nouvelle approche seront illustrés avec les données du microbiome de l'American Gut Project.

Côté, Félix, Institut National de la Recherche Scientifique (INRS), Centre Armand-Frappier Santé Biotechnologie (AFSB), Unité mixte de recherche en Santé durable (UMR, INRS-UQAC)

Détection de données aberrantes appliquée aux données transcriptomiques

La détection des données aberrantes est cruciale en analyse biologique pour obtenir des résultats représentatifs et non-biaisés. Cette étape est principalement réalisée avec deux approches : la première consiste à appliquer des méthodes de réduction de dimensions pour identifier visuellement les points aberrants ; la seconde s'appuie sur un score pour désigner comme aberrant les observations qui dépassent un certain seuil. Au fil des années, divers algorithmes de réduction de dimensions et de détection d'anomalies ont été développés. Pour des non-statisticiens, il peut être difficile de choisir la méthode la plus appropriée. Cette étude a pour but de comparer et d'évaluer les deux approches sur un ensemble de données transcriptomiques pour informer et mieux guider les biologistes dans le processus de prétraitement et de contrôle de qualité des données. Au final, cette étude contribuera à l'amélioration de la fiabilité et de la pertinence des analyses biologiques.

Randrianjatovo, Fenosoa, Institut national de la recherche scientifique (INRS) / Armand-Frappier Santé Biotechnologie Research Centre | UMR Chicoutimi

Et-SNE and MQt-SNE: Robust Approaches for Dimensionality Reduction in Genetics and Genealogy

High-dimensional biological data in genetics and genealogy often suffer from redundancy, noise, and outliers. Traditional dimensionality reduction methods struggle with these challenges, especially when data distributions are asymmetric. To address these issues, we propose Et-SNE and MQt-SNE, novel extensions of t-SNE that use robust statistical measures, Expectiles and M-quantiles, to better preserve intrinsic data structures. Furthermore, we integrate these approaches with UMAP and Variational Autoencoders to enhance visualization and clustering performance. Validation on real genetic and genealogical datasets, along with simulation studies, demonstrates that our proposed methods can effectively handle skewed, noisy, and outlier-rich data, offering powerful tools for biological analysis. In addition, they show improved preservation of key data structures and enhanced interpretability compared to other dimensionality reduction techniques.

Baldé, Maimouna, Institut national de la recherche scientifique (INRS), Centre Armand-Frappier Santé Biotechnologie, Unité mixte de recherche (UMR) INRS-UQAC en santé durable

Sélection et estimation de variables en présence d'erreurs de mesure et de données manquantes

Grâce aux progrès technologiques, les données en grande dimension deviennent de plus en plus fréquentes. Ces données représentent une opportunité pour améliorer nos prises de décisions notamment en les exploitant adéquatement avec des méthodes supervisées. Cependant, en plus des défis computationnels, ces données comportent souvent des erreurs de mesures et des données manquantes qu'il est important d'adresser pour réduire les biais inhérents et améliorer la précision. Pourtant, les méthodes statistiques et algorithmes d'apprentissage standards ne prennent pas en compte ces limites d'où la nécessité de développer de nouvelles méthodes capables de prendre en compte ces défis en grande dimension. Dans ce travail de recherche, nous proposons la méthode AdapDiscom qui améliore la méthode Discom pour tenir compte simultanément des erreurs de mesure et des données manquantes ainsi que de l'hétérogénéité des modalités. En plus de ses bonnes propriétés asymptotiques, nous montrons qu'AdapDiscom surpasse les méthodes existantes à travers une simulation exhaustive de scénarios. Nous appliquons également AdapDiscom sur les données multimodales de l'ADNI (Alzheimer's Disease Neuroimaging Initiative) pour démontrer son bénéfice dans le cas réel.

Do, Alexandre, Université Laval

Recalibration du Score de risque de Framingham à 10 ans dans une cohorte prospective canadienne

Contexte : Au Canada, les maladies cardiovasculaires (MCV) causent un quart des décès. Des études suggèrent que le score de risque de Framingham, l'outil de prédition du risque de MCV recommandé par la Société cardiovasculaire du Canada, surestime le risque, nécessitant une recalibration sur la période de 10 ans. Objectifs : Recalibrer et valider le score de Framingham à 10 ans dans une cohorte canadienne et comparer sa performance avec l'outil original. Méthodes : La cohorte PROspective Québec study on work and health ($n=6\ 465$) servira à la recalibration via un modèle de Cox, en ajustant la fonction de survie de base, les moyennes/proportions des prédicteurs et les coefficients. La calibration et la discrimination des modèles seront évaluées. Résultats : Le score recalibré devrait mieux estimer le risque de MCV et améliorer la stratification du risque. Conclusion : L'identification plus fiable des individus à risque optimisera l'intervention et l'allocation des ressources médicales.

Mozart Nerva, Deneus, Université Laval

A comparison of X chromosome inactivation inference tools – application in asthma

Background: Asthma, influenced by genetic and environmental factors, shows sex-based differences implicating the X chromosome. The complex structure of the X chromosome and its diverse inactivation patterns, including random, escape, and skewed X chromosome inactivation (XCI) pose challenges to understanding its genetic contribution.

Objective: To identify the most reliable XCI inference tool for genetic association studies.

Methods: We evaluated three tools (max-LLR, Xlink, and XCMax4) using simulated data and applied them to the Quebec City Case-Control Asthma Cohort (QCCAC) of 1,618 French-Canadian participants (1,089 cases and 529 controls) with 14,129 X chromosome SNPs.

Results: In simulations, XCMax4 outperformed max-LLR and Xlink in inferring XCI, particularly in skewed patterns. For XCI-E, Xlink showed a slight advantage over the other methods. In QCCAC, XCMax4 showed 97% concordance with max-LLR.

Conclusion: XCMax4 is a robust and fast tool to infer XCI states.

Panel des carrières

(14:00 PM – 15:00 PM)

Lieu: Amphithéâtre R05-215 A et B au 5e étage du CRCHUM



Awa Diop

Directrice associée, Real world data scientist chez AstraZeneca.

Panéliste.



Miguel Chagnon

Directeur du service de consultation statistique de l'Université de Montréal.

Panéliste.



Sara Johnson
Directrice chez STATLOG Inc.

Panéliste.



Sahir Bhatnagar
Biostatisticien, généticien statistique,
directeur associé, professeur associé.
Départements d'épidémiologie, de
biostatistique, de santé au travail et de
radiologie diagnostique, Université
McGill.

Panéliste.



Amadou Barry
Amadou Barry est professeur-
chercheur en statistique à l'INRS-
UQAC en santé durable affiliée au
Centre Armand-Frappier Santé
Biotechnologie. Il a auparavant
travaillé à l'Institut national de santé
publique du Québec.

Panéliste.

Discours d'honneur

(15:30 PM – 16:30 PM)

Lieu: Amphithéâtre R05-215 A et B au 5e étage du CRCHUM



Simon Girard

Professeur en génétique humaine à l'UQAC. Présentera le discours d'honneur sur la thématique

"Le grand pouvoir des petites populations".

Biographie

Je suis un chercheur qui jongle avec plusieurs domaines d'intérêt, soit l'étude des facteurs génétiques pouvant conduire aux maladies rares et complexes ; la génétique des populations québécoises ; ainsi que la génomique en général. Dans mon labo, nous travaillons à développer de nouvelles méthodes bioinformatiques et statistiques pour mieux comprendre certaines maladies en tenant compte de la structure de la population et des généralogies. Finalement, nous développons de nouvelles plateformes novatrices de science participative et de données sur la population québécoise pour intégrer la science dans la vie quotidienne et pour mieux servir les chercheurs qui désirent travailler sur la population québécoise.

Merci à nos commanditaires !



McGill

Département
d'épidémiologie, de biostatistique
et de santé au travail



Institut national
de la recherche
scientifique



Faculté de pharmacie



Le Ministère de la Langue française du Québec



Faculté de médecine
Département de médecine
sociale et préventive



UNIVERSITÉ
LAVAL